

La ruta FUL-AP2 y la longevidad de los meristemas Bases moleculares y potencial biotecnológico

Irene Martínez Fernández¹

Directora: Cristina Ferrándiz¹. **Tutor:** Carmelo López del Rincón²

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV)

² Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV).

Programa de doctorado en Biotecnología

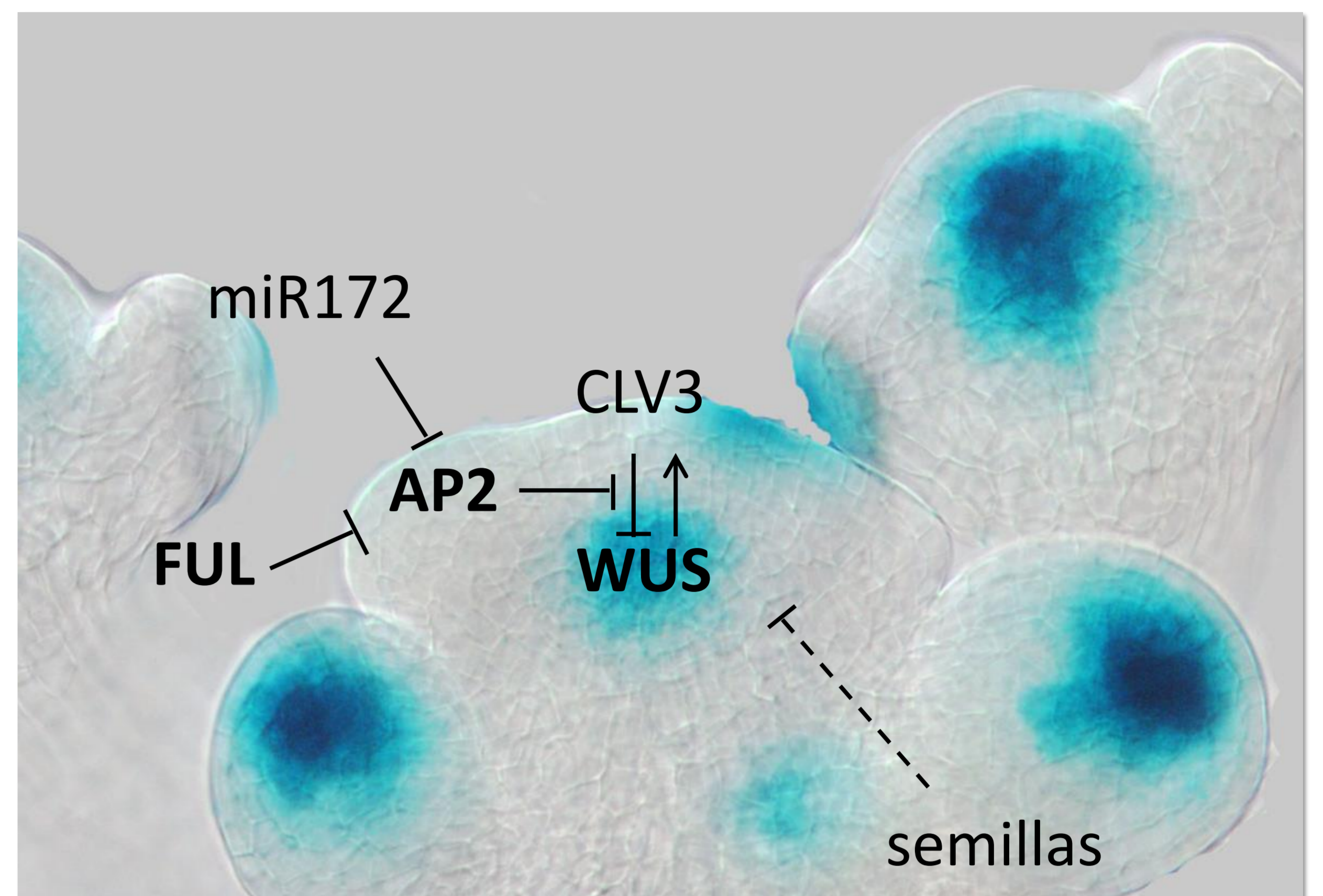
RESUMEN

Todos los órganos de la planta se desarrollan a partir de los meristemas. En *Arabidopsis thaliana*, una planta monocárpica, durante la fase vegetativa el meristemo apical del tallo (SAM) forma hojas de roseta y tras la transición floral comienza a formar hojas caulinares en una primera fase inflorescente y flores en una segunda fase (Bowman, 1994; Meyerowitz y Somerville, 1994).

El número de flores que llega a producir una planta monocárpica depende del tiempo durante el que se mantiene activa la actividad proliferativa del SAM. Es por esto por lo que el estudio de los factores genéticos que controlan el cese de la actividad del SAM adquiere gran importancia. El conocimiento exacto de los genes que regulan el mantenimiento de las células meristemáticas ayudaría en los programas de mejora de los cultivos a la obtención de variedades más productivas.

En estudios previos se ha descrito que *APETALA 2 (AP2)*, un factor de transcripción de la tipo AP2/ERF, además de estar implicado en el establecimiento de identidad de órganos florales externos (Bowman *et al.*, 1991;), también participa en la regulación de la actividad meristemática, posiblemente a través de la regulación del ciclo de retroalimentación entre *WUSCHEL (WUS)* y *CLAVATA 3 (CLV3)* (Wurschum *et al.*, 2006). A medida que avanza la edad de la planta, aumenta el nivel de expresión de ciertos factores que reprimen la expresión de *AP2*, como *FRUITFULL (FUL)* (Balanzá, 2011) y el microRNA 172 (miR172) (Wu *et al.* 2009). Como resultado al final del ciclo de vida de la planta el nivel de expresión de *AP2* se reduce y por tanto también el de *WUS*, deteniéndose la actividad meristemática (Balanzá, 2011). Como en los mutantes *ful* y *ap2-170* (un alelo de *AP2* parcialmente insensible a la represión del miR172), la expresión de *AP2* permanece activa durante más tiempo, también se prolonga la activación de *WUS* y los meristemas son más longevos.

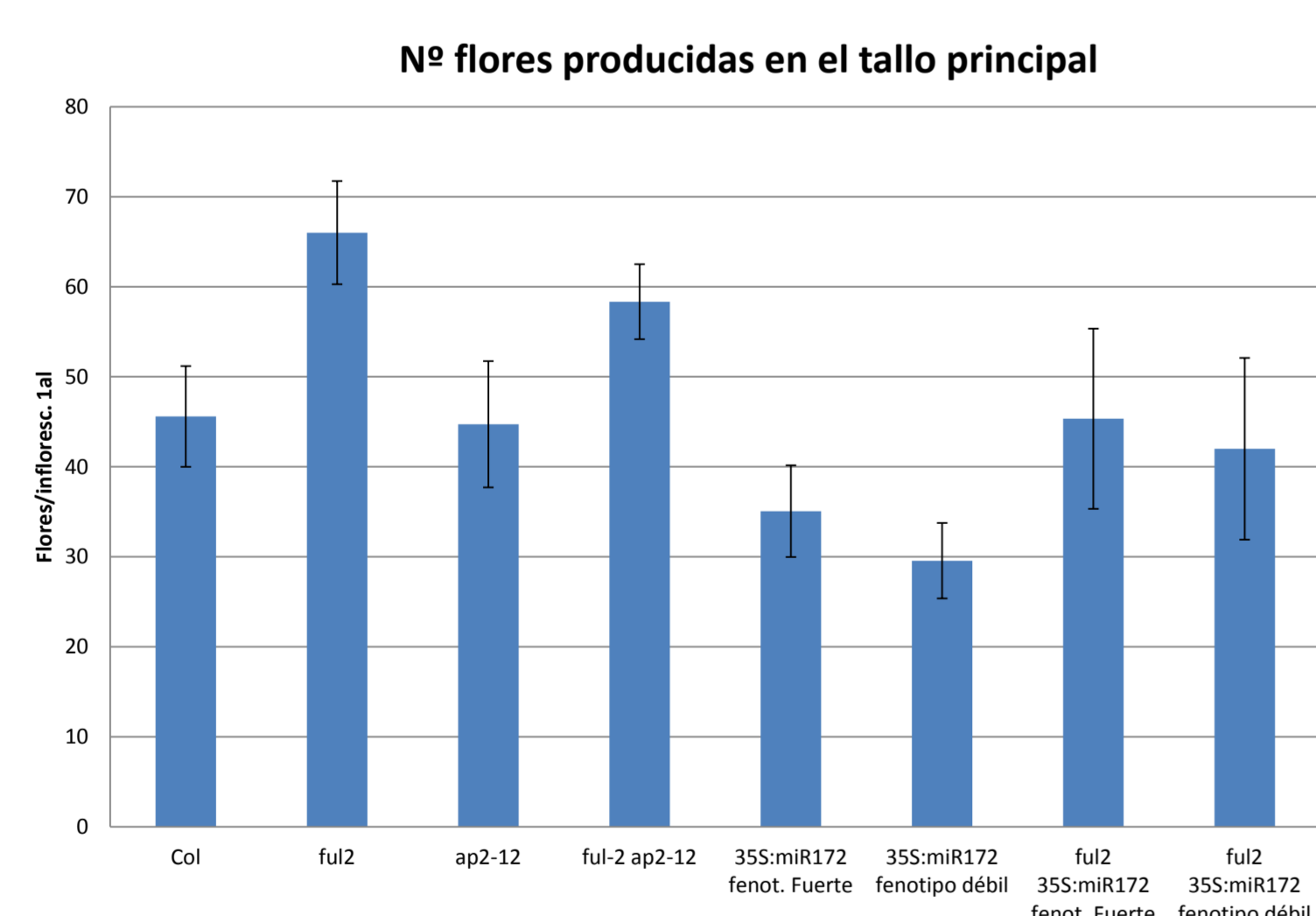
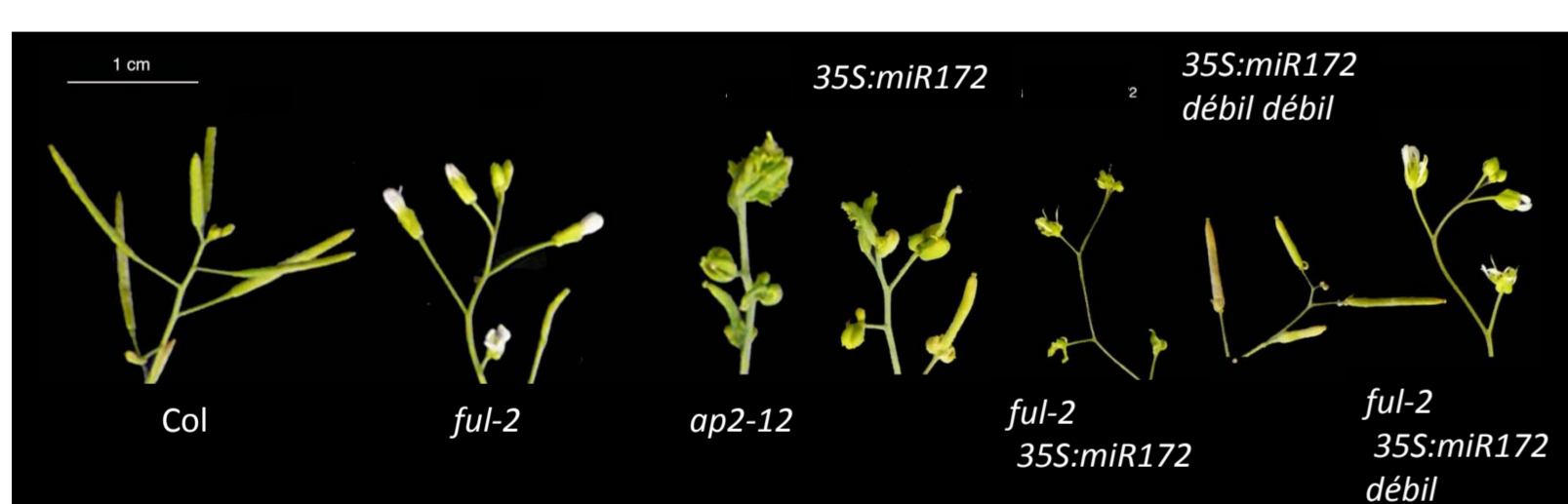
Rutas genéticas de control del mantenimiento del SAM



OBJETIVOS

1. Estudio de la ruta genética FUL-AP2 de control del cese de la actividad meristemática en *Arabidopsis thaliana*. Identificación de nuevos factores relacionados funcionalmente con *FUL* y *AP2*.
2. Búsqueda de nuevos mutantes con alteraciones en la parada de la actividad del meristemo apical del tallo mediante el rastreo de poblaciones mutageneizadas de *Arabidopsis thaliana*. Identificación de los genes afectados.
3. Diseño de estrategias biotecnológicas basadas en la manipulación de la ruta FUL-AP2 para aumentar la producción de frutos y semillas.
4. Estudio de la conservación funcional de la ruta FUL-AP2 de control de la actividad del meristemo en otras especies de interés agrícola.

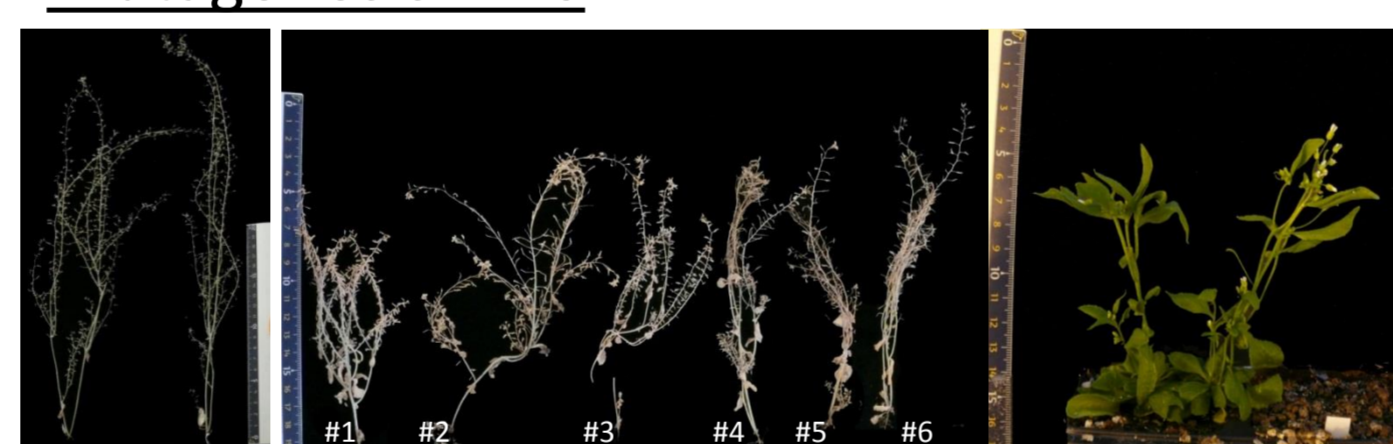
1 Efecto de los factores de transcripción de la familia AP2/ERF sobre la parada de la actividad meristemática



TOE1, *TOE2*, *TOE3*, *SNZ* y *SMZ* podrían estar participando junto a *AP2* en la activación de *WUS* en el SAM y su nivel de expresión estaría controlado por *FUL* y miR172.

2 Rastreo de poblaciones estériles mutageneizadas para encontrar nuevos mutantes que permitan identificar los factores genéticos por los cuales el número de semillas producidas controla la parada del SAM

Mutagenesis EMS



Mutagenesis Activation Tagging



T1 Crecimiento de cer6 con humedad elevada para conseguir semillas
T2 Selección de plantas donde el SAM pare su actividad antes o después que en el control

Identificación del gen mutado mediante rescate plasmídico.

4 Caracterización de los ortólogos de FUL en *Pisum sativum* y evaluación del rendimiento en diferentes condiciones de cultivo.



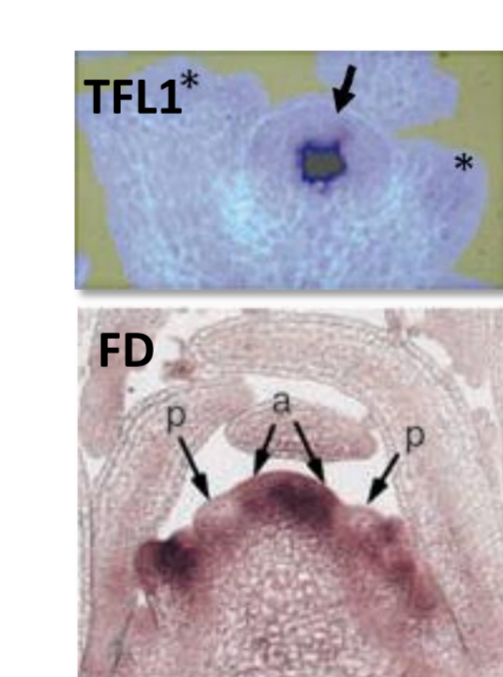
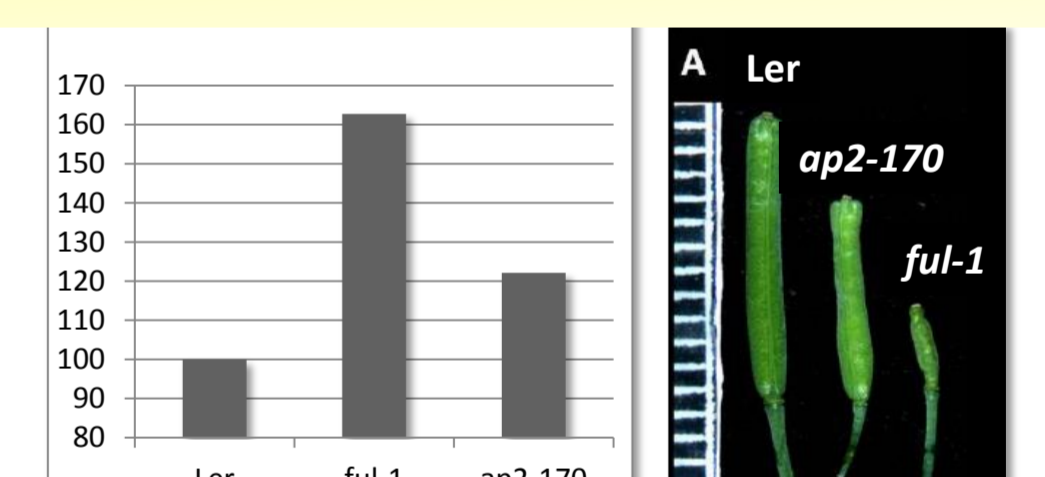
Fourquin y Ferrandiz (no publicado)

APLICACIONES

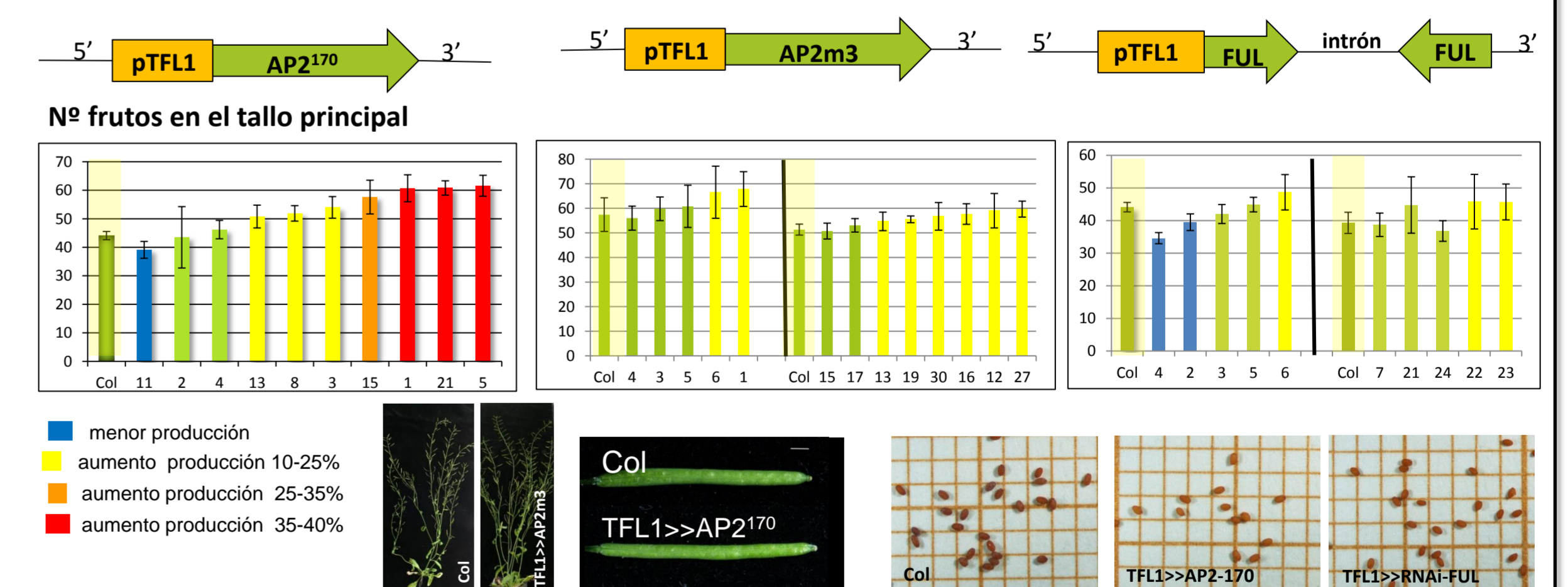
Aumentar la producción de frutos de los cultivos.

El conocimiento que se adquiera con estos trabajos sobre las rutas genéticas que controlan la parada de la actividad meristemática en plantas monocárpicas podría ayudar a la obtención de cultivos más productivos.

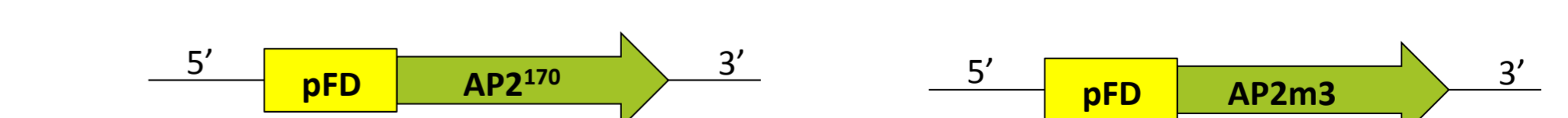
3 Los mutantes *ful* y *ap2-170* producen más frutos, pero con defectos en su desarrollo



Expresando un RNAi contra *FUL* y el alelo *ap2-170* bajo el control de promotores específicos de SAM hemos conseguido plantas más productivas y sin defectos en su desarrollo



Incremento de producción de frutos 10-40%



Se presentan defectos en la determinación del meristemo floral



Se esperan resultados mejores o similares a los obtenidos con las construcciones TFL1>>AP2-170 y TFL1>>AP2m3

Biografía:

Meyerowitz, E. M. y Somerville, C. R. (1994). *Arabidopsis*. Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
Balanzá Pérez, Vicente (2011). Tesis doctoral: Nuevas Funciones y Dianas Moleculares del Factor de Transcripción FRUITFULL en *Arabidopsis thaliana*.
Bowman, J. L., Smyth, D. R. y Meyerowitz, E. M. (1991). Genetic interactions among floral homeotic genes of *Arabidopsis*. *Development* 112, 1-20.
Bowman, J. L. (1994). *Arabidopsis: an atlas of morphology and development*, (ed., pp. 450. New York: Springer.
Wu, G., Park, M. Y., Conway, S. R., Wang, J. W., Weigel, D. y Poethig, R. S. (2009). The sequential action of miR156 y miR172 regulates developmental timing in *Arabidopsis*. *Cell* 138, 750-9.
Wurschum, T., Gross-Hardt, R. y Laux, T. (2006). *APETALA2* regulates the stem cell niche in the *Arabidopsis* shoot meristem. *Plant Cell* 18, 295-307.